Appendix II

P03170US/WARF-0204

```
      351  PLAAKTLGGILCFKREERAWEHVRDSPIWNLPQDESSILPALRLSYHQLP  400
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      351  PLAAKTLGGILCFKREERAWEHVRDSPIWNLPQDESSILPALRLSYHQLP  400

      401  LDLKQCFAYCAVFPKDAKMEKEKLISLWMAHGFLLSKGNMELEDVGDEVW  450
           |||||||||||||||||||||||||-||||||||||||||||||||||||
      401  LDLKQCFAYCAVFPKDAKMKKEKLISLWMAHGFLLSKGNMELEDVGDEVW  450

      451  KEL*LRSFFQEIEVKDGKTYFKMHDLIHDLATSLFSANTSSSNIREINKH  500
           |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      451  KELYLRSFFQEIEVKDGKTYFKMHDLIHDLATSLFSANTSSSNIREINKH  500

      501  SYTHMMSIGFAEVVFFYTLPPLEKFISLRVLNLGDSTFNKLPSSIGDLVH  550
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      501  SYTHMMSIGFAEVVFFYTLPPLEKFISLRVLNLGDSTFNKLPSSIGDLVH  550

      551  LRYLNLYGSGMRSLPKQLCKLQNLQTLDLQYCTKLCCLPKETSKLGSLRN  600
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      551  LRYLNLYGSGMRSLPKQLCKLQNLQTLDLQYCTKLCCLPKETSKLGSLRN  600

      601  LLLDGSQSLTCMPPRIGSLTCLKTLGQFVVGRKKGYQLGELGNLNLYGSI  650
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      601  LLLDGSQSLTCMPPRIGSLTCLKTLGQFVVGRKKGYQLGELGNLNLYGSI  650

      651  KISHLERVKNDKDAKEANLSAKGNLHSLSMSWNNFGPHIYESEEVKVLEA  700
           ||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      651  KISHLERVKNDMDAKEANLSAKGNLHSLSMSWNNFGPHIYESEEVKVLEA  700

      701  LKPHSNLTSLKIYGFRGIHLPEWMNHSVLKNIVSILISNFRNCSCLPPFG  750
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      701  LKPHSNLTSLKIYGFRGIHLPEWMNHSVLKNIVSILISNFRNCSCLPPFG  750

      751  DLPCLESLELHWGSADVEYVEEVDIDVHSGFPTRIRFPSLRKLDIWDFGS  800
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      751  DLPCLESLELHWGSADVEYVEEVDIDVHSGFPTRIRFPSLRKLDIWDFGS  800

      801  LKGLLKKEGEEQFPVLEEMIIHECPFLTLSSNLRALTSLRICYNKVATSF  850
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      801  LKGLLKKEGEEQFPVLEEMIIHECPFLTLSSNLRALTSLRICYNKVATSF  850

      851  PEEMFKNLANLKYLTISRCNNLKELPTSLASLNALKSL......ALESLP  894
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||      ||||||
      851  PEEMFKNLANLKYLTISRCNNLKELPTSLASLNALKSLKIQLCCALESLP  900

      895  EEGLEGLSSLTELFVEHCNMLKCLPEGLQHLTTLTSLKIRGCPQLIKRCE  944
           |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      901  EEGLEGLSSLTELFVEHCNMLKCLPEGLQHLTTLTSLKIRGCPQLIKRCE  950

      945  KGIGEDWHKISHIPNVNIYI*  965
           ||||||||||||||||||||
      951  KGIGEDWHKISHIPNVNIYI*  971
```

Example 6:

The following example shows a nucleic acid comparison between the gene 2 coding regions from a disease resistant and disease susceptible variety. The top sequence is the gene 2 coding region from the resistant homolog. The bottom sequence is the gene 2 coding region

- 43 -

17

P03170US/WARF-0204

from the susceptible 177013 homolog. Note that the susceptible homolog contains a C to G
point mutation at position 1362 that creates a stop codon in second exon at Tyr454 (residue 454
of 970 total), creating a severely truncated protein, in addition to one mismatch (C to T) at codon
10 which doesn't change the amino acid and one sense mutation (T to C) at codon 22 which
alters valine to alanine.

```
   1 ATGGCTGAAGCTTTCATTCAAGTTCTGCTAGACAATCTCACTTCTTTCCT 50
     |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||
2895 ATGGCTGAAGCTTTCATTCAAGTTCTGTTAGACAATCTCACTTCTTTCCT 2846

  51 CAAAGGGGAACTTGTATTGCTTTTCGGTTTTCAAGATGAGTTCCAAAGGC 100
     |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
2845 CaAAGGGGAACTTGCATTGCTTTTCGGTTTTCAAGATGAGTTCCAAAGGC 2796

 101 TTTCAAGCATGTTTTCTACAATTCAAGCCGTCCTTGAAGATGCTCAGGAG 150
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2795 TTTCAAGCATGTTTTCTACAATTCAAGCCGTCCTTGAAGATGCTCAGGAG 2746

 151 AAGCAACTCAACAACAAGCCTCTAGAAAATTGGTTGCAAAAACTCAATGC 200
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2745 AAGCAACTCAACAACAAGCCTCTAGAAAATTGGTTGCAAAAACTCAATGC 2696

 201 TGCTACATATGAAGTCGATGACATCTTGGATGAATATAAAACCAAGGCCA 250
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2695 TGCTACATATGAAGTCGATGACATCTTGGATGAATATAAAACCAAGGCCA 2646

 251 CAAGATTCTCCCAGTCTGAATATGGCCGTTATCATCCAAAGGTTATCCCT 300
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2645 CAAGATTCTCCCAGTCTGAATATGGCCGTTATCATCCAAAGGTTATCCCT 2596

 301 TTCCGTCACAAGGTCGGGAAAAAGGATGGACCAAGTGATGAAAAACTAAA 350
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2595 TTCCGTCACAAGGTCGGGAAAAAGGATGGACCAAGTGATGAAAAACTAAA 2546

 351 GGCAATTGCTGAGGAAAGAAAGAATTTTCATTTGCACGAAAAAATTGTAG 400
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2545 GGCAATTGCTGAGGAAAGAAAGAATTTTCATTTGCACGAAAAAATTGTAG 2496

 401 AGAGACAAGCTGTTAGACGGCAAACACGTTCTGTATTAACCGAACCGCAG 450
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2495 AGAGACAAGCTGTTAGACGGGAAACAGGTTCTGTATTAACCGAACCGCAG 2446

 451 GTTTATGGAAGAGACAAAGAGAAAGATGAGATAGTGAAAATCCTAATAAA 500
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2445 GTTTATGGAAGAGACAAAGAGAAAGATCAGATAGTGAAAATCCTAATAAA 2396

 501 CAATGTTAGTGATGCCCAACACCTTTCAGTCCTCCCAATACTTGGTATGG 550
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2395 CAATGTTAGTGATGCCCAACACCTTTCAGTCCTCCCAATACTTGGTATGG 2346

 551 GGGGATTAGGAAAAACGACTCTTGCCCAAATGGTCTTCAATGACCAGAGA 600
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2345 GGGGATTAGGAAAAACGACTCTTGCCCAAATGGTCTTCAATGACCAGAGA 2296

 601 GTTACTGAGCATTTCCATTCCAAAATATGGATTTGTGTCTCGGAAGATTT 650
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2295 GTTACTGAGCATTTCCATTCCAAAATATGGATTTGTGTCTCGGAAGATTT 2246
```

- 44 -

P03170US/WARF-0204

```
 651 TGATGAGAAGAGGTTAATAAAGGCAATTGTAGAATCTATTGAAGGAAGGC 700
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2245 TGATGAGAAGAGGTTAATAAAGGCAATTGTAGAATCTATTGAAGGAAGGC 2196

 701 CACTACTTGGTGAGATGGACTTGGCTCCACTTCAAAAGAAGCTTCAGGAG 750
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2195 CACTACTTGGTGAGATGGACTTGGCTCCACTTCAAAAGAAGCTTCAGGAG 2146

 751 TTGCTGAATGGAAAAAGATACTTGCTTGTCTTAGATGATGTTTGGAATGA 800
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2145 TTGCTGAATGGAAAAAGATACTTGCTTGTCTTAGATGATGTTTGGAATGA 2096

 801 AGATCAACAGAAGTGGGCTAATTTAAGAGCAGTCTTGAAGGTTGGAGCAA 850
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2095 AGATCAACAGAAGTGGGCTAATTTAAGAGCAGTCTTGAAGGTTGGAGCAA 2046

 851 GTGGTGCTTCTGTTCTAACCACTACTCGTCTTGAAAAGGTTGGATCAATT 900
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2045 GTGGTGCTTCTGTTCTAACCACTACTCGTCTTGAAAAGGTTGGATCAATT 1996

 901 ATGGGAACATTGCAACCATATGAACTGTCAAACCTGTCTCAAGAAGATTG 950
     |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
1995 ATGGGAACATTGCAACCATATGAACTGTCAAATCTGTCTCAAGAAGATTG 1946

 951 TTGGTTGTTGTTCATGCAACGTGCATTTGGACACCAAGAAGAAATAAATC 1000
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1945 TTGGTTGTTGTTCATGCAACGTGCATTTGGACACCAAGAAGAAATAAATC 1896

1001 CAAACCTTGTGGCAATCGGAAAGGAGATTGTGAAAAAAAGTGGTGGTGTG 1050
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1895 CAAACCTTGTGGCAATCGGAAAGGAGATTGTGAAAAAAAGTGGTGGTGTG 1846

1051 CCTCTAGCAGCCAAAACTCTTGGAGGTATTTTGTGCTTCAAGAGAGAAGA 1100
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1845 CCTCTAGCAGCCAAAACTCTTGGAGGTATTTTGTGCTTCAAGAGAGAAGA 1796

1101 AAGAGCATGGGAACATGTGAGAGACAGTCCGATTTGGAATTTGCCTCAAG 1150
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1795 AAGAGCATGGGAACATGTGAGAGACAGTCCGATTTGGAATTTGCCTCAAG 1746

1151 ATGAAAGTTCTATTCTGCCTGCCCTGAGGCTTAGTTACCATCAACTTCCA 1200
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1745 ATGAAAGTTCTATTCTGCCTGCCCTGAGGCTTAGTTACCATCAACTTCCA 1696

1201 CTTGATTTGAAACAATGCTTTGCGTATTGTGCGGTGTTCCCAAAGGATGC 1250
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1695 CTTGATTTGAAACAATGCTTTGCGTATTGTGCGGTGTTCCCAAAGGATGC 1646

1251 CAAAATGAAAAAAGAAAAGCTAATCTCTCTCTGGATGGCGCATGGTTTTC 1300
     ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1645 CAAAATGGAAAAAGAAAAGCTAATCTCTCTCTGGATGGCGCATGGTTTTC 1596

1301 TTTTATCAAAAGGAAACATGGAGCTAGAGGATGTGGGCGATGAAGTATGG 1350
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1595 TTTTATCAAAAGGAAACATGGAGCTAGAGGATGTGGGCGATGAAGTATGG 1546

1351 AAAGAATTATACTTGAGGTCTTTTTTCCAAGAGATTGAAGTTAAAGATGG 1400
     ||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1545 AAAGAATTATACTTGAGGTCTTTTTTCCAAGAGATTGAAGTTAAAGATGG 1496

1401 TAAAACTTATTTCAAGATGCATGATCTCATCCATGATTTGGCAACATCTC 1450
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

- 45 -

19

P03170US/WARF-0204

```
      1495 TAAAACTTATTTCAAGATGCATGATCTCATCCATGATTTGGCAACATCTC 1446

      1451 TGTTTTCAGCAAACACATCAAGCAGCAATATCCGTGAAATAAATAAACAC 1500
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 5    1445 TGTTTTCAGCAAACACATCAAGCAGCAATATCCGTGAAATAAATAAACAC 1396

      1501 AGTTACACACATATGATGTCCATTGGTTTCGCCGAAGTGGTGTTTTTTTA 1550
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 10   1395 AGTTACACACATATGATGTCCATTGGTTTCGCCGAAGTGGTGTTTTTTTA 1346

      1551 CACTCTTCCCCCCTTGGAAAAGTTTATCTCGTTAAGAGTGCTTAATCTAG 1600
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      1345 CACTCTTCCCCCCTTGGAAAAGTTTATCTCGTTAAGAGTGCTTAATCTAG 1296

 15   1601 GTGATTCGACATTTAATAAGTTACCATCTTCCATTGGAGATCTAGTACAT 1650
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      1295 GTGATTCGACATTTAATAAGTTACCATCTTCCATTGGAGATCTAGTACAT 1246

      1651 TTAAGATACTTGAACCTGTATGGCAGTGGCATGCGTAGTCTTCCAAAGCA 1700
 20        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      1245 TTAAGATACTTGAACCTGTATGGCAGTGGCATGCGTAGTCTTCCAAAGCA 1196

      1701 GTTATGCAAGCTTCAAAATCTGCAAACTCTTGATCTACAATATTGCACCA 1750
 25        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      1195 GTTATGCAAGCTTCAAAATCTGCAAACTCTTGATCTACAATATTGCACCA 1146

      1751 AGCTTTGTTGTTTGCCAAAAGAAACAAGTAAACTTGGTAGTCTCCGAAAT 1800
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 30   1145 AGCTTTGTTGTTTGCCAAAAGAAACAAGTAAACTTGGTAGTCTCCGAAAT 1096

      1801 CTTTTACTTGATGGTAGCCAGTCATTGACTTGTATGCCACCAAGGATAGG 1850
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      1095 CTTTTACTTGATGGTAGCCAGTCATTGACTTGTATGCCACCAAGGATAGG 1046

 35   1851 ATCATTGACATGCCTTAAGACTCTAGGTCAATTTGTTGTTGGAAGGAAGA 1900
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      1045 ATCATTGACATGCCTTAAGACTCTAGGTCAATTTGTTCTTGGAAGGAAGA 996

      1901 AAGGTTATCAACTTGGTGAACTAGGAAACCTAAATCTCTATGGCTCAATT 1950
 40        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
       995 AAGGTTATCAACTTGGTGAACTAGGAAACCTAAATCTCTATGGCTCAATT 946

      1951 AAAATCTCGCATCTTGAGAGAGTGAAGAATGATATGGACGCAAAAGAAGC 2000
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
 45    945 AAAATCTCGCATCTTGAGAGAGTGAAGAATGATAAGGACGCAAAAGAAGC 896

      2001 CAATTTATCTGCAAAAGGGAATCTGCATTCTTTAAGCATGAGTTGGAATA 2050
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 50    895 CAATTTATCTGCAAAAGGGAATCTGCATTCTTTAAGCATGAGTTGGAATA 846

      2051 ACTTTGGACCACATATATATGAATCAGAAGAAGTTAAAGTGCTTGAAGCC 2100
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
       845 ACTTTGGACCACATATATATGAATCAGAAGAAGTTAAAGTGCTTGAAGCC 796

 55   2101 CTCAAACCACACTCCAATCTGACTTCTTTAAAAATCTATGGCTTCAGAGG 2150
           ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
       795 CTCAAACCACACTCCAATCTGACTTCTTTAAAAATCTATGGCTTCAGAGG 746

      2151 AATCCATCTCCCAGAGTGGATGAATCACTCAGTATTGAAAAATATTGTCT 2200
 60        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
       745 AATCCATCTCCCAGAGTGGATGAATCACTCAGTATTGAAAAATATTGTCT 696
```

- 46 -

P03170US/WARF-0204

```
2201 CTATTCTAATTAGCAACTTCAGAAACTGCTCATGCTTACCACCCTTTGGT 2250
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 695 CTATTCTAATTAGCAACTTCAGAAACTGCTCATGCTTACCACCCTTTGGT 646

2251 GATCTGCCTTGTCTAGAAAGTCTAGAGTTACACTGCGGGTCTGCGGATGT 2300
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 645 GATCTGCCTTGTCTAGAAACTCTAGAGTTACACTGGGGGTCTGCGGATGT 596

2301 GGAGTATGTTGAAGAAGTGGATATTGATGTTCATTCTGGATTCCCCACAA 2350
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 595 GGAGTATGTTGAAGAAGTGGATATTGATGTTCATTCTGGATTCCCCACAA 546

2351 GAATAAGGTTTCCATCCTTGAGGAAACTTGATATATGGGACTTTGGTAGT 2400
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 545 GAATAAGGTTTCCATCCTTGAGGAAACTTGATATATGGGACTTTGGTAGT 496

2401 CTGAAAGGATTGCTGAAAAAGGAAGGAGAAGAGCAATTCCCTGTGCTTGA 2450
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 495 CTGAAAGGATTGCTGAAAAAGGAAGGAGAAGAGCAATTCCCTGTGCTTGA 446

2451 AGAGATGATAATTCACGAGTGCCCTTTTCTGACCCTTTCTTCTAATCTTA 2500
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 445 AGAGATGATAATTCACGAGTGCCCTTTTCTGACCCTTTCTTCTAATCTTA 396

2501 GGGCTCTTACTTCCCTCAGAATTTGCTATAATAAAGTAGCTACTTCATTC 2550
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 395 GGGCTCTTACTTCCCTCAGAATTTGCTATAATAAAGTAGCTACTTCATTC 346

2551 CCAGAAGAGATGTTCAAAAACCTTGCAAATCTCAAATACTTGACAATCTC 2600
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 345 CCAGAAGAGATGTTCAAAAACCTTGCAAATCTCAAATACTTGACAATCTC 296

2601 TCCGTGCAATAATCTCAAAGAGCTGCCTACCAGCTTGGCTAGTCTGAATG 2650
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
 295 TCGGTGCAATAATCTCAAAGAGCTGCCTACCAGCCTGGCTAGTCTGAATG 246

2651 CTTTGAAAAGTCTAAAAATTCAATTGTGTTGCGCACTAGAGAGTCTCCCT 2700
     |||||||||||||              ||||||||||||||||||
 245 CTTTGAAAAGTCTA................GCACTAGAGAGTCTCCCT 214

2701 GAGGAAGGGCTGGAAGGTTTATCTTCACTCACAGAGTTATTTGTTGAACA 2750
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 213 GAGGAAGGGCTGGAAGGTTTATCTTCACTCACAGAGTTATTTGTTGAACA 164

2751 CTGTAACATGCTAAAATGTTTACCAGAGGGATTGCAGCACCTAACAACCC 2800
     ||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 163 CTGTAACATGCTGAAATGTTTACCAGAGGGATTGCAGCACCTAACAACCC 114

2801 TCACAAGTTTAAAAATTCGGGGATGTCCACAACTGATCAAGCGGTGTGAG 2850
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 113 TCACAAGTTTAAAAATTCGGGGATGTCCACAACTGATCAAGCGGTGTGAG 64

2851 AAGGGAATAGGAGAAGACTGGCACAAAATTTCTCACATTCCTAATGTGAA 2900
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  63 AAGGGAATAGGAGAAGACTGGCACAAAATTTCTCACATTCCTAATGTGAA 14

2901 TATATATATTTAA 2913
     |||||||||||||
  13 TATATATATTTAA 1
```

- 47 -

21